

APPLICATION UNDER UNITED STATES PATENT LAWS

Atty. Dkt. No. PW 282413
(M#)

Invention: Nucleotide Sequences Coding for the ThrE Gene and Process for the
Enzymatic Production of L-Threonine Using Coryneform Bacteria

Inventor (s): Petra ZIEGLER
Lothar EGDELING
Hermann SAHM
Georg THIERBACH

Pillsbury Winthrop LLP
Intellectual Property Group
1600 Tysons Boulevard
McLean, VA 22102
Attorneys
Telephone: (703) 905-2000

Jc971 U.S. PTO
09/963521
09/27/01

This is a:

- ☐ Provisional Application
- ☐ Regular Utility Application
- ☒ Continuing Application
 - ☒ The contents of the parent are incorporated by reference
- ☐ PCT National Phase Application
- ☐ Design Application
- ☐ Reissue Application
- ☐ Plant Application
- ☐ Substitute Specification
 - Sub. Spec Filed _____
 - in App. No. _____ / _____
- ☐ Marked up Specification re
 - Sub. Spec. filed _____
 - In App. No. _____ / _____

SPECIFICATION

**Neue für das thrE-Gen codierende Nukleotidsequenzen und
Verfahren zur fermentativen Herstellung von L-Threonin mit
coryneformen Bakterien**

Gegenstand der Erfindung sind für das thrE-Gen kodierende
5 Nukleotidsequenzen und Verfahren zur fermentativen
Herstellung von L-Threonin unter Verwendung von
coryneformen Bakterien, in denen das thrE-Gen verstärkt
wird.

Stand der Technik

10 L-Threonin findet in der Tierernährung, in der Humanmedizin
und in der pharmazeutischen Industrie Anwendung.

Es ist bekannt, daß L-Threonin durch Fermentation von
Stämmen coryneformer Bakterien insbesondere Corynebacterium
glutamicum hergestellt werden kann. Wegen der großen
15 Bedeutung wird ständig an der Verbesserung der
Herstellverfahren gearbeitet. Verfahrensbesserungen können
fermentationstechnische Maßnahmen wie z.B. Rührung und
Versorgung mit Sauerstoff, oder die Zusammensetzung der
Nährmedien wie z.B. die Zuckerkonzentration während der
20 Fermentation, oder die Aufarbeitung zur Produktform durch
z.B. Ionenaustauschchromatographie oder die intrinsischen
Leistungseigenschaften des Mikroorganismus selbst
betreffen.

Zur Verbesserung der Leistungseigenschaften dieser
25 Mikroorganismen werden Methoden der Mutagenese, Selektion
und Mutantenauswahl angewendet. Auf diese Weise erhält man
Stämme, die resistent gegen Antimetabolite wie z.B. das
Threonin-Analogon α -Amino- β -Hydroxyvaleriansäure (AHV) oder
auxotroph für regulatorisch bedeutsame Aminosäuren sind und
30 L-Threonin produzieren.

Seit einigen Jahren werden ebenfalls Methoden der
rekombinanten DNA-Technik zur Stammverbesserung L-Threonin
produzierender Stämme von Corynebacterium eingesetzt, indem

man einzelne Threonin-Biosynthesegene amplifiziert und die Auswirkung auf die L-Threonin-Produktion untersucht.

Aufgabe der Erfindung

Die Erfinder haben sich zur Aufgabe gestellt, neue
5 Maßnahmen zur verbesserten fermentativen Herstellung von L-Threonin bereitzustellen.

Beschreibung der Erfindung

L-Threonin findet in der Tierernährung, in der Humanmedizin und in der pharmazeutischen Industrie Anwendung. Es besteht
10 daher ein allgemeines Interesse daran neue verbesserte Verfahren zur Herstellung von L-Threonin bereitzustellen.

Gegenstand der Erfindung ist eine in coryneformen Mikroorganismen replizierbare, bevorzugt rekombinante DNA mit der Herkunft Corynebacterium, die zumindest die
15 Nukleotidsequenz enthält, die für das thrE-Gen, dargestellt in der SEQ-ID-No. 1 und SEQ-ID-No.3, codiert.

Gegenstand ist ebenfalls eine replizierbare DNA gemäß Anspruch 1 mit:

- 20 (i) den Nukleotidsequenzen, gezeigt in SEQ-ID-No. 1 oder SEQ-ID-No.3, die für das thrE-Gen codieren, oder
- (ii) mindestens einer Sequenz, die den Sequenzen (i) innerhalb des Bereichs der Degeneration des genetischen Codes entspricht, oder
- 25 (iii) mindestens einer Sequenz, die mit den zu den Sequenzen (i) oder (ii) komplementären Sequenz hybridisiert, und/oder gegebenenfalls
- (iv) funktionsneutralen Sinnmutationen in (i).

Ebenso sind coryneforme Mikroorganismen, insbesondere der
30 Gattung Corynebacterium, transformiert durch die Einführung der genannten replizierbaren DNA Gegenstand der Erfindung.

Die Erfindung betrifft schließlich ein Verfahren zur fermentativen Herstellung von L-Threonin unter Verwendung von coryneformen Bakterien, die insbesondere bereits L-Threonin produzieren und in denen die für das thrE-Gen
5 codierende(n) Nukleotidsequenz(en) verstärkt, insbesondere überexprimiert werden.

Der Begriff "Verstärkung" beschreibt in diesem Zusammenhang die Erhöhung der intrazellulären Aktivität eines oder mehrerer Enzyme in einem Mikroorganismus, die durch die
10 entsprechende DNA kodiert werden, indem man beispielsweise die Kopienzahl des Gens bzw. der Gene erhöht, einen starken Promotor oder ein Gen verwendet, das für ein entsprechendes Enzym mit einer hohen Aktivität kodiert und gegebenenfalls diese Maßnahmen kombiniert.

15 Die Mikroorganismen, die Gegenstand der vorliegenden Erfindung sind, können L-Threonin aus Glucose, Saccharose, Lactose, Fructose, Maltose, Melasse, Stärke, Cellulose oder aus Glycerin und Ethanol herstellen. Es kann sich um Vertreter coryneformer Bakterien, insbesondere der Gattung
20 Corynebacterium handeln. Bei der Gattung Corynebacterium ist insbesondere die Art Corynebacterium glutamicum zu nennen, die in der Fachwelt für ihre Fähigkeit bekannt ist, L-Aminosäuren zu produzieren.

Geeignete Stämme der Gattung Corynebacterium, insbesondere
25 der Art Corynebacterium glutamicum, sind besonders die bekannten Wildtypstämme

Corynebacterium glutamicum ATCC13032
Corynebacterium acetoglutamicum ATCC15806
Corynebacterium acetoacidophilum ATCC13870
30 Corynebacterium melassecola ATCC17965
Corynebacterium thermoaminogenes FERM BP-1539
Brevibacterium flavum ATCC14067
Brevibacterium lactofermentum ATCC13869 und
Brevibacterium divaricatum ATCC14020
35 und daraus hergestellte L-Threonin produzierende Mutanten bzw. Stämme, wie beispielsweise

Corynebacterium glutamicum ATCC21649

Brevibacterium flavum BB69

Brevibacterium flavum DSM5399

Brevibacterium lactofermentum FERM-BP 269

5 *Brevibacterium lactofermentum* TBB-10

Den Erfindern gelang es, das *thrE*-Gen von *Corynebacterium glutamicum* zu isolieren. Zur Isolierung des *thrE*-Gens wird zunächst eine im *thrE*-Gen defekte Mutante von *C. glutamicum* hergestellt. Hierzu wird ein geeigneter Ausgangsstamm wie
10 z. B. ATCC14752 oder ATCC13032 einem Mutagenese-Verfahren unterworfen.

Klassische Mutagenese-Verfahren sind die Behandlung mit Chemikalien wie z. B. N-Methyl-N-Nitro-N-Nitrosoguanidin oder UV-Bestrahlung. Derartige Verfahren zur
15 Mutationsauslösung sind allgemein bekannt und können unter anderem bei Miller (A Short Course in Bacterial Genetics, A Laboratory Manual and Handbook for *Escherichia coli* and Related Bacteria (Cold Spring Harbor Laboratory Press, 1992)) oder im Handbuch "Manual of Methods for General
20 Bacteriology" der American Society for Bacteriology (Washington D.C., USA, 1981) nachgelesen werden.

Ein anderes Mutagenese-Verfahren ist die Methode der Transposonmutagenese bei der die Eigenschaft eines Transposons ausgenutzt wird in DNA-Sequenzen zu "springen"
25 und dadurch die Funktion des betreffenden Gens zu stören bzw. auszuschalten. Transposons coryneformer Bakterien sind in der Fachwelt bekannt. So wurden aus *Corynebacterium xerosis* Stamm M82B das Erythromycinresistenz-Transposon Tn5432 (Tauch et al., Plasmid (1995) 33: 168-179) und das
30 Chloramphenicolresistenz-Transposon Tn5546 isoliert.

Ein anderes Transposon ist das Transposon Tn5531 das bei Ankri et al. (Journal of Bacteriology (1996) 178: 4412-4419) beschrieben wird und beispielhaft im Laufe der vorliegenden Erfindung eingesetzt wurde. Das Transposon
35 Tn5531 enthält das *aph3* Kanamycinresistenzgen und kann in Form des Plasmidvektors pCGL0040 verabreicht werden, der in

Figur 1 dargestellt ist. Die Nukleotidsequenz des Transposons Tn5531 ist unter der Zugangsnummer (accession number) U53587 bei dem National Center for Biotechnology Information (NCBI, Bethesda, MD, USA) frei verfügbar.

- 5 Nach erfolgter Mutagenese vorzugsweise Transposon-Mutagenese wird eine im thrE-Gen defekte Mutante gesucht. Eine im thrE-Gen defekte Mutante wird daran erkannt, daß sie auf Minimalagar gutes Wachstum, aber auf Minimalagar, der mit Threonin haltigen Oligopeptiden wie z. B. dem
- 10 Tripeptid Threonyl-threonyl-Threonin supplementiert wurde, schlechtes Wachstum zeigt.

Ein Beispiel für eine derartige Mutante ist der Stamm ATCC14752 Δ ilvAthrE::Tn5531.

- Ein auf die beschriebene Weise hergestellter Stamm kann
- 15 dann für die Isolierung und Klonierung des thrE-Gens verwendet werden.

- Hierzu kann eine Genbank des interessierenden Bakteriums angelegt werden. Das Anlegen von Genbanken ist in allgemein bekannten Lehrbüchern und Handbüchern niedergeschrieben.
- 20 Als Beispiel seien das Lehrbuch von Winnacker: Gene und Klone, Eine Einführung in die Gentechnologie (Verlag Chemie, Weinheim, Deutschland, 1990) oder das Handbuch von Sambrook et al.: Molecular Cloning, A Laboratory Manual (Cold Spring Harbor Laboratory Press, 1989) genannt. Eine
- 25 sehr bekannte Genbank ist die des E. coli K-12 Stammes W3110, die von Kohara et al. (Cell 50, 495 - 508 (1987)) in λ -Vektoren angelegt wurde. Bathe et al. (Molecular and General Genetics, 252:255-265, 1996) beschreiben eine
- 30 Genbank von C. glutamicum ATCC13032, die mit Hilfe des Cosmidvektors SuperCos I (Wahl et al., 1987, Proceedings of the National Academy of Sciences USA, 84:2160-2164) im E.coli K-12 Stamm NM554 (Raleigh et al., 1988, Nucleic Acids Research 16:1563-1575) angelegt wurde. Für die
- vorliegende Erfindung eignen sich solche Vektoren, die in
- 35 coryneformen Bakterien vorzugsweise Corynebacterium glutamicum replizieren. Derartige Vektoren sind aus dem

Stand der Technik bekannt; als Beispiel sei der Plasmidvektor pZ1 genannt, der bei Menkel et al. (Applied and Environmental Microbiology (1989) 64: 549-554) beschrieben ist. Die auf die beschriebene Weise erhaltene
5 Genbank wird anschließend mittels Transformation oder Elektroporation in den im thrE-Gen defekten Indikatorstamm überführt und solche Transformanten gesucht, die die Fähigkeit besitzen, in Gegenwart Threonin haltiger Oligopeptide auf Minimalagar zu wachsen. Das klonierte DNA-
10 Fragment kann anschließend einer Sequenzanalyse unterzogen werden.

Bei Verwendung einer durch Tn5531-Mutagenese erzeugten Mutante eines coryneformen Bakteriums wie z. B. der Stamm ATCC14752 Δ ilvAthrE::Tn5531 kann das thrE::Tn5531-Allel
15 direkt unter Ausnutzung des in ihm enthaltenen Kanamycinresistenzgens aph3 kloniert und isoliert werden. Hierzu verwendet man bekannte Kloniervektoren wie z. B. pUC18 (Norrande et al., Gene (1983) 26: 101-106 und Yanisch-Perron et al., Gene (1985) 33: 103-119). Als
20 Klonierwirte eignen sich besonders solche E. coli-Stämme, die restriktions- und rekombinationsdefekt sind. Ein Beispiel hierfür ist der Stamm DH5 α mc^r, der von Grant et al. (Proceedings of the National Academy of Sciences USA, 87 (1990) 4645-4649) beschrieben wurde. Die Selektion auf
25 Transformanten erfolgt in Gegenwart von Kanamycin. Die Plasmid-DNA der erhaltenen Transformanten wird anschließend sequenziert. Hierzu kann die von Sanger et al. (Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America USA (1977) 74: 5463-5467) beschriebene Dideoxy-
30 Kettenabbruchmethode verwendet werden. Hiernach erhält man die stromaufwärts und stromabwärts des Tn5531-Insertionsortes thrE-Gensequenzen. Die erhaltenen Nukleotidsequenzen werden dann mit kommerziell erhältlichen Sequenzanalyse-Programmen wie z. B. dem Programmpaket
35 Lasergene (Biocomputing Software for Windows, DNASTAR, Madison, USA) oder dem Programmpaket HUSAR (Release 4.0, EMBL, Heidelberg, Deutschland) analysiert und zusammengefügt.

Auf diese Weise wurde die neue für das thrE-Gen kodierende DNA-Sequenz von *C. glutamicum* erhalten, die als SEQ ID NO 1 Bestandteil der vorliegenden Erfindung ist. Weiterhin wurde aus der vorliegenden DNA-Sequenz mit den oben beschriebenen 5 Methoden die Aminosäuresequenz des entsprechenden Proteins abgeleitet. In SEQ ID NO 2 ist die sich ergebende Aminosäuresequenz des thrE-Genproduktes dargestellt.

Kodierende DNA-Sequenzen, die sich aus SEQ ID NO 1 durch die Degeneriertheit des genetischen Codes ergeben, sind 10 ebenfalls Bestandteil der Erfindung. In gleicher Weise sind DNA-Sequenzen, die mit SEQ ID NO 1 oder Teilen von SEQ ID NO 1 hybridisieren, Bestandteil der Erfindung. In der Fachwelt sind weiterhin konservative Aminosäureaustausche wie z.B. Austausch von Glycin gegen Alanin oder von 15 Asparaginsäure gegen Glutaminsäure in Proteinen als „Sinnmutationen“ (sense mutations) bekannt, die zu keiner grundsätzlichen Veränderung der Aktivität des Proteins führen, d. h. funktionsneutral sind. Weiterhin ist bekannt, daß Änderungen am N- und/oder C-Terminus eines Proteins 20 dessen Funktion nicht wesentlich beeinträchtigen oder sogar stabilisieren können. Angaben hierzu findet der Fachmann unter anderem bei Ben-Bassat et al. (Journal of Bacteriology 169:751-757 (1987)), bei O'Regan et al. (Gene 77:237-251 (1989)), bei Sahin-Toth et al. (Protein Sciences 25 3:240-247 (1994)), bei Hochuli et al. (Bio/Technology 6:1321-1325 (1988)) und in bekannten Lehrbüchern der Genetik und Molekularbiologie. Aminosäuresequenzen, die sich in entsprechender Weise aus SEQ ID NO 2 ergeben sind ebenfalls Bestandteil der Erfindung.

30 Unter Ausnutzung der in SEQ-ID-No. 1 dargestellten Nukleotidsequenz können geeignete Primer synthetisiert und diese dann dazu verwendet werden mit Hilfe der Polymerase-Kettenreaktion (PCR) thrE-Gene verschiedener coryneformer Bakterien und Stämme zu amplifizieren. Anleitungen hierzu 35 findet der Fachmann unter anderem beispielsweise im Handbuch von Gait: Oligonukleotide synthesis: a practical approach (IRL Press, Oxford, UK, 1984) und bei Newton und

Graham: PCR (Spektrum Akademischer Verlag, Heidelberg, Deutschland, 1994). Alternativ können die in SEQ-ID-No. 1 dargestellte Nukleotidsequenz oder Teile davon als Sonde zur Suche von thrE-Genen in Genbanken von insbesondere coryneformen Bakterien verwendet werden. Anleitungen hierzu findet der Fachmann unter anderem beispielsweise im Handbuch "The DIG System Users Guide for Filter Hybridization" der Firma Boehringer Mannheim GmbH (Mannheim, Deutschland, 1993) und bei Liebl et al. (International Journal of Systematic Bacteriology (1991) 41: 255-260) Die auf diese Weise amplifzierten thrE-Genhaltigen DNA-Fragmente werden anschließend kloniert und sequenziert.

Auf diese Weise wurde die in SEQ-ID-No. 3 dargestellte DNA-Sequenz des thrE-Gens des Stammes ATCC13032 erhalten, die ebenfalls Bestandteil der vorliegenden Erfindung ist. In SEQ-ID-No. 4 ist die sich ergebende Aminosäuresequenz dargestellt.

Gegenstand der Erfindung ist ebenfalls ein Verfahren zur Isolierung des thrE-Gens, dadurch gekennzeichnet, daß man als Indikatorstämme im thrE-Gen defekte Mutanten, vorzugsweise coryneformer Bakterien gewinnt, die auf einem ein Threonin-haltiges Oligopeptid enthaltenden Nährmedium nicht oder nur gering wachsen und

a) das thrE-Gen nach dem Anlegen einer Genbank identifiziert und isoliert, oder

b) im Fall der Transposon-Mutagenese auf das bevorzugt eine Antibiotikaresistenz enthaltende Transposon selektiert und so das thrE-Gen erhält.

Die Erfinder fanden heraus, daß coryneforme Bakterien nach Überexpression des thrE-Gens in verbesserter Weise L-Threonin produzieren.

Zur Erzielung einer Überexpression kann die Kopienzahl der entsprechenden Gene erhöht werden, oder es kann die

Promotor- und Regulationsregion oder die Ribosomenbindungsstelle, die sich stromaufwärts des Strukturgens befindet, mutiert werden. In gleicher Weise wirken Expressionskassetten, die stromaufwärts des Strukturgens eingebaut werden. Durch induzierbare Promotoren ist es zusätzlich möglich die Expression im Verlaufe der fermentativen L-Threonin-Produktion zu steigern. Durch Maßnahmen zur Verlängerung der Lebensdauer der m-RNA wird ebenfalls die Expression verbessert.

10 Weiterhin wird durch Verhinderung des Abbaus des Enzymproteins ebenfalls die Enzymaktivität verstärkt. Die Gene oder Genkonstrukte können entweder in Plasmiden mit unterschiedlicher Kopienzahl vorliegen oder im Chromosom integriert und amplifiziert sein. Alternativ kann weiterhin

15 eine Überexpression der betreffenden Gene durch Veränderung der Medienzusammensetzung und Kulturführung erreicht werden.

Anleitungen hierzu findet der Fachmann unter anderem bei Martin et al. (Bio/Technology 5, 137-146 (1987)), bei

20 Guerrero et al. (Gene 138, 35-41 (1994)), Tsuchiya und Morinaga (Bio/Technology 6, 428-430 (1988)), bei Eikmanns et al. (Gene 102, 93-98 (1991)), in der Europäischen Patentschrift EPS 0 472 869, im US Patent 4,601,893, bei Schwarzer und Pühler (Bio/Technology 9, 84-87 (1991)), bei

25 Reinscheid et al. (Applied and Environmental Microbiology 60, 126-132 (1994)), bei LaBarre et al. (Journal of Bacteriology 175, 1001-1007 (1993)), in der Patentanmeldung WO 96/15246, bei Malumbres et al. (Gene 134, 15 - 24 (1993)), in der japanischen Offenlegungsschrift JP-A-10-

30 229891, bei Jensen und Hammer (Biotechnology and Bioengineering 58, 191-195 (1998)), bei Makrides (Microbiological Reviews 60:512-538 (1996)) und in bekannten Lehrbüchern der Genetik und Molekularbiologie.

Ein Beispiel für ein Plasmid mit Hilfe dessen das thrE-Gen

35 überexprimiert werden kann, ist pZlthrE (Figur 2), das in dem Stamm DM368-2 pZlthrE enthalten ist. Plasmid pZlthrE ist ein auf Plasmid pZ1 beruhender C. glutamicum - E. coli

Pendelvektor, der bei Menkel et al. (Applied and Environmental Microbiology (1989) 64: 549-554) beschrieben ist. Andere in *C. glutamicum* replizierbare Plasmidvektoren wie z.B. pEKEx1 (Eikmanns et al., Gene 102:93-98 (1991))
5 oder pZ8-1 (EP-B- 0 375 889) können in gleicher Weise verwendet werden.

Zusätzlich kann es für die Produktion von L-Threonin vorteilhaft sein neben dem neuen thrE-Gen ein oder mehrere Enzyme des bekannten Threonin-Biosyntheseweges oder Enzyme
10 des anaplerotischen Stoffwechsels oder Enzyme des Zitronensäure-Zyklus zu überexprimieren. So kann beispielsweise:

- gleichzeitig das für die Homoserin-Dehydrogenase kodierende hom-Gen (Peoples et al., Molecular
15 Microbiology 2, 63-72 (1988)) oder das für eine "feed back resistente" Homoserin-Dehydrogenase kodierende hom^{dr}-Allel (Archer et al., Gene 107, 53-59 (1991)) oder
- gleichzeitig das für die Pyruvat-Carboxylase kodierende pyc-Gen (DE-A-19 831 609) oder
- 20 ◦ gleichzeitig das für die Malat:Chinon Oxidoreduktase kodierende mqo-Gen (Molenaar et al., European Journal of Biochemistry 254, 395 - 403 (1998))

überexprimiert werden.

Weiterhin kann es für die Produktion von L-Threonin
25 vorteilhaft sein neben der Überexpression des thrE-Gens unerwünschte Nebenreaktionen wie z. B. die Threonin-Dehydrogenase auszuschalten (Nakayama: "Breeding of Amino Acid Producing Micro-organisms", in: Overproduction of Microbial Products, Krumphanzl, Sikyta, Vanek (eds.),
30 Academic Press, London, UK, 1982 und Bell und Turner, Biochemical Journal 156, 449-458 (1976)).

Die erfindungsgemäß hergestellten Mikroorganismen können kontinuierlich oder diskontinuierlich im batch - Verfahren (Satzkultivierung) oder im fed batch (Zulaufverfahren) oder

repeated fed batch Verfahren (repetitives Zulaufverfahren) zum Zwecke der Produktion von L-Threonin kultiviert werden. Eine Zusammenfassung über bekannte Kultivierungsmethoden sind im Lehrbuch von Chmiel (Bioprozesstechnik 1.

- 5 Einführung in die Bioverfahrenstechnik (Gustav Fischer Verlag, Stuttgart, 1991)) oder im Lehrbuch von Storhas (Bioreaktoren und periphere Einrichtungen (Vieweg Verlag, Braunschweig/Wiesbaden, 1994)) beschrieben.

- Das zu verwendende Kulturmedium muß in geeigneter Weise den
- 10 Ansprüchen der jeweiligen Stämme genügen. Beschreibungen von Kulturmedien verschiedenener Mikroorganismen sind im Handbuch "Manual of Methods for General Bacteriology" der American Society for Bacteriology (Washington D.C., USA, 1981) enthalten. Als Kohlenstoffquelle können Zucker und
- 15 Kohlehydrate wie z.B. Glucose, Saccharose, Lactose, Fructose, Maltose, Melasse, Stärke und Cellulose, Öle und Fette wie z. B. Sojaöl, Sonnenblumenöl, Erdnussöl und Kokosfett, Fettsäuren wie z. B. Palmitinsäure, Stearinsäure und Linolsäure, Alkohole wie z. B. Glycerin und Ethanol und
- 20 organische Säuren wie z. B. Essigsäure verwendet werden. Diese Stoffe können einzeln oder als Mischung verwendet werden. Als Stickstoffquelle können organische Stickstoff haltige Verbindungen wie Peptone, Hefeextrakt, Fleischextrakt, Malzextrakt, Maisquellwasser,
- 25 Sojabohnenmehl und Harnstoff oder anorganische Verbindungen wie Ammoniumsulfat, Ammoniumchlorid, Ammoniumphosphat, Ammoniumcarbonat und Ammoniumnitrat verwendet werden. Die Stickstoffquellen können einzeln oder als Mischung verwendet werden. Als Phosphorquelle können Phosphorsäure,
- 30 Kaliumdihydrogenphosphat oder Dikaliumhydrogenphosphat oder die entsprechenden Natrium haltigen Salze verwendet werden. Das Kulturmedium muß weiterhin Salze von Metallen enthalten wie z.B. Magnesiumsulfat oder Eisensulfat, die für das Wachstum notwendig sind. Schließlich können essentielle
- 35 Wuchsstoffe wie Aminosäuren und Vitamine zusätzlich zu den oben genannten Stoffen eingesetzt werden. Dem Kulturmedium können überdies geeignete Vorstufen zugesetzt werden. Die genannten Einsatzstoffe können zur Kultur in Form eines

einmaligen Ansatzes hinzugegeben oder in geeigneter Weise während der Kultivierung zugefüttert werden.

Zur pH - Kontrolle der Kultur werden basische Verbindungen wie Natriumhydroxid, Kaliumhydroxid, Ammoniak bzw.

- 5 Ammoniakwasser oder saure Verbindungen wie Phosphorsäure oder Schwefelsäure in geeigneter Weise eingesetzt. Zur Kontrolle der Schaumentwicklung können Antischaummittel wie z.B. Fettsäurepolyglykolester eingesetzt werden. Zur Aufrechterhaltung der Stabilität von Plasmiden können dem
- 10 Medium geeignete selektiv wirkende Stoffe z.B. Antibiotika hinzugefügt werden. Um aerobe Bedingungen aufrechtzuerhalten werden Sauerstoff oder Sauerstoff haltige Gasmischungen wie z.B. Luft in die Kultur eingetragen. Die Temperatur der Kultur liegt normalerweise
- 15 bei 20°C bis 45°C und vorzugsweise bei 25°C bis 40°C. Die Kultur wird solange fortgesetzt bis sich ein Maximum an L-Threonin gebildet hat. Dieses Ziel wird normalerweise innerhalb von 10 Stunden bis 160 Stunden erreicht.

Die Analyse von L-Threonin kann durch

- 20 Anionenaustauschchromatographie mit anschließender Ninhydrin Derivatisierung erfolgen so wie bei Spackman et al. (Analytical Chemistry, 30, (1958), 1190) beschrieben, oder sie kann durch reversed phase HPLC erfolgen so wie bei Lindroth et al. (Analytical Chemistry (1979) 51: 1167-1174)
- 25 beschrieben.

Folgende Mikroorganismen wurden bei der Deutschen Sammlung für Mikroorganismen und Zellkulturen (DSMZ, Braunschweig, Deutschland) gemäß Budapester Vertrag hinterlegt:

- *Brevibacterium flavum* Stamm DM368-2 pZ1thrE
- 30 als DSM 12840
- *Escherichia coli* Stamm GM2929pCGL0040
- als DSM 12839

Beispiele

Die vorliegende Erfindung wird im folgenden anhand von Ausführungsbeispielen näher erläutert.

Die Isolierung von Plasmid-DNA aus *Escherichia coli* sowie
5 alle Techniken zur Restriktion, Klenow- und alkalische
Phosphatasebehandlung wurden nach Sambrook et al.
(Molecular cloning. A laboratory manual (1989) Cold Spring
Harbour Laboratory Press) durchgeführt. Die Transformation
von *Escherichia coli* wurde, wenn nicht anders beschrieben,
10 nach Chung et al. (Proceedings of the National Academy of
Sciences of the United States of America USA (1989) 86:
2172-2175) durchgeführt.

Beispiel 1

Klonierung und Sequenzierung des thrE-Gens von
15 *Corynebacterium glutamicum* ATCC14752

1. Transposonmutagenese und Mutantenauswahl

Der Stamm *Corynebacterium glutamicum* ATCC14752 Δ ilvA wurde
einer Mutagenese mit dem Transposon Tn5531 unterworfen,
dessen Sequenz unter der Accession-Nummer U53587 in der
20 Nukleotid-Datenbank des National Center for Biotechnology
Information (Bethesda, USA) hinterlegt ist. Der Einbau
einer Deletion in das ilvA-Gen von *Corynebacterium*
glutamicum ATCC14752 wurde mit dem bei Schäfer et al. (Gene
(1994) 145: 69-73) beschriebenen System zum Genaustausch
25 durchgeführt. Dazu wurde der von Sahm et al. konstruierte
Inaktivierungsvektor pK19mobsacB Δ ilvA (Applied and
Environmental Microbiology (1999) 65: 1973-1979) zur
Deletion verwendet. Zunächst wurde der Methylase-defekte
Escherichia coli Stamm SCS110 (Jerpseth und Kretz,
30 STRATEGIES in molecular biology 6, 22, (1993)) der Firma
Stratagene (Heidelberg, Deutschland) mit 200 ng des Vektors
pK19mobsacB Δ ilvA transformiert. Transformanten wurden
anhand ihrer Kanamycinresistenz auf 50 μ g/mL Kanamycin
enthaltenden LB-Agarplatten identifiziert. Aus einer der

Transformanten wurde das Plasmid pK19mobsacB Δ ilvA präpariert. Mittels Elektroporation (Haynes et al., FEMS Microbiology Letters (1989) 61: 329-334) wurden dieses Inaktivierungsplasmid dann in den Stamm *Corynebacterium glutamicum* ATCC14752 eingebracht. Klone, bei denen der Inaktivierungsvektor im Genom integriert vorlag, wurden anhand ihrer Kanamycinresistenz auf 15 μ g/mL Kanamycin enthaltenden LBHIS-Agarplatten identifiziert (Liebl et al., FEMS Microbiology Letters (1989) 65: 299-304). Um auf die Excision des Vektors zu selektieren, wurden Kanamycinresistente Klone auf Saccharose-haltigem LBG-Medium (LB-Medium mit 15 g/L Agar, 2% Glukose und 10% Saccharose) ausplattiert. Dabei wurden Kolonien erhalten, welche den Vektor durch ein zweites Rekombinationsereignis wieder verloren haben (Jäger et al.; Journal of Bacteriology (1992) 174: 5462-5465). Durch Überimpfen auf Minimalmediumplatten (CGXII-Medium mit 15 g/L Agar (Keilhauer et al., Journal of Bacteriology (1993) 175: 5595-5603)) mit und ohne 300 mg/L L-Isoleucin, bzw. mit und ohne 50 μ g/mL Kanamycin wurden sechs Klone isoliert, die durch Excision des Vektors Kanamycin sensitiv und Isoleucin auxotroph waren und bei denen nun das unvollständige ilvA-Gen (Δ ilvA-Allel) im Genom vorlag. Einer dieser Klone wurde als Stamm ATCC14752 Δ ilvA bezeichnet und zur Transposonmutagenese eingesetzt.

Aus dem Methylase-defekten *E. coli*-Stamm GM2929pCGL0040 (*E. coli* GM2929: Palmer et al., Gene (1994) 143: 1-12) wurde das Plasmid pCGL0040 isoliert, welches das zusammengesetzte Transposon Tn5531 enthält (Ankri et al., Journal of Bacteriology (1996) 178: 4412-4419). Der Stamm *Corynebacterium glutamicum* ATCC14752 Δ ilvA wurde mittels Elektroporation (Haynes et al., FEMS Microbiology Letters (1989) 61: 329-334) mit dem Plasmid pCGL0040 transformiert. Klone, bei denen das Transposon Tn5531 ins Genom integriert war, wurden anhand ihrer Kanamycinresistenz auf 15 μ g/mL Kanamycin enthaltenden LBHIS-Agarplatten identifiziert (Liebl et al., FEMS Microbiology Letters (1989) 65: 299-304). Auf diese Weise wurden 2000 Klone erhalten, welche

auf verzögertes Wachstum in Anwesenheit von Threonyl-threonyl-threonin überprüft wurden. Dazu wurden alle Klone einzeln auf CGXII-Minimalmedium-Agarplatten mit und ohne 2 mM Threonyl-threonyl-threonin übertragen. Das Medium war
 5 identisch mit dem bei Keilhauer et al. beschriebenen Medium CGXII (Journal of Bacteriology (1993) 175: 5593-5603),
 enthielt aber zusätzlich 25 µg/mL Kanamycin, 300 mg/L L-Isoleucin und 15 g/L Agar. Die Zusammensetzung des von
 Keilhauer et al. beschriebenen Mediums ist in Tabelle 1
 10 dargestellt.

Tabelle 1
 Zusammensetzung des Mediums CGXII

Komponente	Konzentration
(NH ₄) ₂ SO ₄	20 g/L
Harnstoff	5 g/L
KH ₂ PO ₄	1 g/L
K ₂ HPO ₄	1 g/L
MgSO ₄ x 7 H ₂ O	0,25 g/L
3-Morpholinopropansulfonsäure	42 g/L
CaCl ₂	10 mg/L
FeSO ₄ x 7 H ₂ O	10 mg/L
MnSO ₄ x H ₂ O	10 mg/L
ZnSO ₄ x 7H ₂ O	1 mg/L
CuSO ₄	0,2 mg/L
NiCl ₂ x 6 H ₂ O	0,02 mg/L
Biotin	0,2 mg/L
Glukose	40 g/L
Protokatechusäure	30 mg/L

Die Agarplatten wurden bei 30°C inkubiert und das Wachstum
 15 nach 12, 18 und 24 Stunden untersucht. Es wurde eine
 Transposonmutante erhalten, die ohne Threonyl-threonyl-threonin vergleichbar mit dem Ausgangsstamm *Corynebacterium glutamicum* ATCC14752ΔilvA wuchs, in Anwesenheit von 2 mM Threonyl-threonyl-threonin aber verzögertes Wachstum

zeigte. Diese wurde als ATCC14752 Δ ilvAthrE::Tn5531 bezeichnet.

2. Klonierung und Sequenzierung des Insertionsortes von Tn5531 in ATCC14752 Δ ilvAthrE::Tn5531

- 5 Um den stromaufwärts des Transposons Tn5531 gelegenen Insertionsort in der in Beispiel 1.1 beschriebenen Mutante zu klonieren, wurde zunächst die chromosomale DNA dieses Mutantenstammes wie bei Schwarzer et al. (Bio/Technology (1990) 9: 84-87) beschrieben isoliert und 400 ng davon mit
10 der Restriktionsendonuklease EcoRI geschnitten. Der vollständige Restriktionsansatz wurde in den ebenfalls mit EcoRI linearisierten Vektor pUC18 (Norander et al., Gene (1983) 26: 101-106) der Firma Roche Diagnostics (Mannheim, Deutschland) ligiert. Mit dem gesamten Ligationsansatz
15 wurde der E. coli Stamm DH5 α mc^r (Grant et al., Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America USA (1990) 87: 4645-4649) mittels Elektroporation transformiert (Dower et al., Nucleic Acid Research (1988) 16: 6127-6145). Transformanten, bei denen auf dem Vektor
20 pUC18 die Insertionsorte des Transposons Tn5531 kloniert vorlagen, wurden anhand ihrer Carbenicillin- und Kanamycinresistenz auf 50 μ g/mL Carbenicillin und 25 μ g/mL Kanamycin enthaltenden LB-Agarplatten identifiziert. Aus drei der Transformanten wurden die Plasmide präpariert und
25 durch Restriktionsanalyse die Größen der klonierten Inserts bestimmt. Die Nukleotidsequenz des Insertionsortes auf einem der Plasmide mit einem ca. 5,7 kb großen Insert wurde nach der Dideoxy-Kettenabbruchmethode von Sanger et al. bestimmt (Proceedings of the National Academy of Sciences
30 of the United States of America USA (1977) 74: 5463-5467). Hierzu wurden 2,2 kb des Inserts ausgehend von folgendem Oligonukleotid-Primer sequenziert: 5'-CGG GTC TAC ACC GCT AGC CCA GG-3'.

- Zur Identifizierung des stromabwärts des Transposons
35 gelegenen Insertionsortes wurde die chromosomale DNA der Mutante mit der Restriktionsendonuklease XbaI geschnitten

und in den mit XbaI linearisierten Vektor pUC18 ligiert.
Die weitere Klonierung wurde wie oben beschrieben
durchgeführt. Die Nukleotidsequenz des Insertionsortes auf
einem der Plasmide mit einem ca. 8,5 kb großen Insert wurde
5 nach der Dideoxy-Kettenabbruchmethode von Sanger et al.
bestimmt (Proceedings of the National Academy of Sciences
of the United States of America USA (1977) 74: 5463-5467).
Hierzu wurden 0,65 kb des Inserts ausgehend von folgendem
Oligonukleotid-Primer sequenziert: 5'-CGG TGC CTT ATC CAT
10 TCA GG-3'.

Die erhaltenen Nukleotidsequenzen wurde mit dem
Programmpaket Lasergene (Biocomputing Software for Windows,
DNASTAR, Madison, USA) analysiert und zusammengefügt. Diese
Nukleotidsequenz ist als SEQ ID NO 1 wiedergegeben. Die
15 Analyse ergab die Identifizierung eines offenen Leserasters
von 1467 bp Länge. Das entsprechende Gen wurde als thrE-Gen
bezeichnet. Das dazugehörige Genprodukt umfasst 489
Aminosäuren und ist als SEQ ID NO 2 wiedergegeben.

20 Beispiel 2

Klonierung und Sequenzierung des Gens thrE aus
Corynebacterium glutamicum ATCC13032

Das Gen thrE wurde in den E. coli Klonierungsvektor pUC18
(Norrande et al., Gene (1983) 26: 101-106, Roche
25 Diagnostics, Mannheim, Deutschland) kloniert. Die
Klonierung wurde in zwei Schritten durchgeführt. Zunächst
wurde durch eine Polymerasekettenreaktion (PCR) das Gen aus
Corynebacterium glutamicum ATCC13032 mittels folgender aus
SEQ ID NO 1 abgeleiteter Oligonukleotid-Primer
30 amplifiziert.

thrE-forward:

5'-CCC CTT TGA CCT GGT GTT ATT G-3'

thrE-reverse:

5'-CGG CTG CGG TTT CCT CTT-3'

Die PCR-Reaktion wurde in 30 Zyklen in Gegenwart von 200 µM Deoxynukleotid-triphosphaten (dATP, dCTP, dGTP, dTTP), je 1 µM des entsprechenden Oligonukleotids, 100 ng chromosomaler DNA von *Corynebacterium glutamicum* ATCC13032, 1/10 Volumen 10-fach Reaktionspuffer und 2,6 Einheiten einer hitzestabilen Taq-/Pwo-DNA-Polymerase-Mischung (Expand High Fidelity PCR System der Firma Roche Diagnostics, Mannheim, Deutschland) in einem Thermocycler (PTC-100, MJ Research, Inc., Watertown, USA) unter folgenden Bedingungen durchgeführt: 94°C für 30 Sekunden, 58°C für 30 Sekunden und 72°C für 2 Minuten.

Das amplifizierte etwa 1,9 kb große Fragment wurde dann im folgenden mit Hilfe des SureClone Ligation Kit (Amersham Pharmacia Biotech, Uppsala, Schweden) nach Angaben des Herstellers in die SmaI-Schnittstelle des Vektors pUC18 ligiert. Mit dem gesamten Ligationsansatz wurde der *E. coli* Stamm DH5αmc^r (Grant et al., Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America USA (1990) 87: 4645-4649) transformiert. Transformanten wurden anhand ihrer Carbenicillinresistenz auf 50 µg/mL Carbenicillin enthaltenden LB-Agarplatten identifiziert. Aus 8 der Transformanten wurden die Plasmide präpariert und durch Restriktionsanalyse auf das Vorhandensein des 1,9 kb PCR-Fragments als Insert überprüft. Das so entstandene rekombinante Plasmid wird im folgenden mit pUC18thrE bezeichnet.

Die Nukleotidsequenz des 1,9 kb PCR-Fragments in Plasmid pUC18thrE wurde nach der Dideoxy-Kettenabbruchmethode von Sanger et al. bestimmt (Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America USA (1977) 74: 5463-5467). Hierzu wurde das vollständige Insert von pUC18thrE mit Hilfe folgender Primer der Firma Roche Diagnostics (Mannheim, Deutschland) sequenziert.

35 Universalprimer:

5'-GTA AAA CGA CGG CCA GT-3'

Reverseprimer:

5'-GGA AAC AGC TAT GAC CAT G-3'

Die Nukleotidsequenz ist als SEQ ID NO 3 wiedergegeben. Die
5 erhaltene Nukleotidsequenz wurde mit dem Programmpaket
Lasergene (Biocomputing Software for Windows, DNASTAR,
Madison, USA) analysiert. Die Analyse ergab die
Identifizierung eines offenen Leserasters von 1467 bp
Länge, das als thrE-Gen bezeichnet wurde. Dieses kodiert
10 für ein Polypeptid von 489 Aminosäuren, welches als SEQ ID
NO 4 wiedergegeben ist.

Beispiel 3

Expression des Gens thrE in *Corynebacterium glutamicum*

15 Das unter Beispiel 2 beschriebene Gen thrE aus
Corynebacterium glutamicum ATCC13032 wurde zur Expression
in den Vektor pZ1 kloniert (Menkel et al., Applied and
Environmental Microbiology (1989) 64: 549-554). Dazu wurde
aus dem Plasmid pUC18thrE mit den Restriktionsenzymen SacI
20 und XbaI ein 1881 bp großes, das Gen thrE enthaltendes DNA-
Fragment ausgeschnitten. Die 5'- und 3'-Enden dieses
Fragments wurden mit Klenow-Enzym behandelt. Das
resultierende DNA-Fragment wurde in den zuvor mit ScaI
linearisierten und dephosphorylierten Vektor pZ1 ligiert.
25 Mit dem gesamten Ligationsansatz wurde der E. coli Stamm
DH5 α mcr (Grant et al., Proceedings of the National Academy
of Sciences of the United States of America USA (1990) 87:
4645-4649) transformiert. Transformanten wurden anhand
ihrer Kanamycinresistenz auf 50 μ g/mL Kanamycin
30 enthaltenden LB-Agarplatten identifiziert. Aus 2
Transformanten wurden die Plasmide präpariert und durch
Restriktionsanalyse auf das Vorhandensein des 1881 bp
ScaI/XbaI-Fragments als Insert überprüft. Das auf diese

Weise entstandene rekombinante Plasmid wurde als pZlthrE bezeichnet (Figur 2).

Mittels Elektroporation (Haynes et al., FEMS Microbiology Letters (1989) 61: 329-334) wurden die Plasmide pZl und pZlthrE in den threoninbildenden Stamm *Brevibacterium flavum* DM368-2 eingebracht. Der Stamm DM368-2 ist in der EP-B-0 385 940 beschrieben und als DSM5399 hinterlegt. Transformanten wurden anhand ihrer Kanamycinresistenz auf 15 µg/mL Kanamycin enthaltenden LBHIS-Agarplatten identifiziert (Liebl et al., FEMS Microbiology Letters (1989) 65: 299-304). Auf diese Weise entstanden die Stämme *Brevibacterium flavum* DM368-2 pZl und DM368-2 pZlthrE.

Beispiel 5

15 Herstellung von L-Threonin mit *Brevibacterium flavum*

Zur Untersuchung ihrer Threoninbildung wurden die Stämme *B. flavum* DM368-2 pZl und DM368-2 pZlthrE in 100 mL Brain Heart Infusion-Medium mit 50 µg Kanamycin/mL (Difco Laboratories, Detroit, USA) für 14 Stunden bei 30°C vorkultiviert. Anschließend wurden die Zellen einmal mit 0,9% (w/v) Natriumchloridlösung gewaschen und mit dieser Suspension je 60 mL CgXII-Medium so angeimpft, daß die OD₆₀₀ (optische Dichte bei 600 nm) 0,5 betrug. Das Medium war identisch mit dem bei Keilhauer et al. beschriebenen Medium (Journal of Bacteriology (1993) 175: 5593-5603), enthielt aber zusätzlich 50 µg Kanamycin pro mL. Die Kultivierung beider Stämme wurde bei 30°C über einen Zeitraum von 72 Stunden durchgeführt. Nach 0, 24, 48 und 72 Stunden wurden jeweils Proben genommen und die Zellen kurz abzentrifugiert (5 Minuten bei 13000 Umdrehungen pro Minute mit einer Biofuge pico der Firma Heraeus, Osterode, Deutschland).

Die quantitative Bestimmung der extrazellulären Aminosäurekonzentrationen aus dem Kulturüberstand erfolgte mittels reversed phase HPLC (Lindroth et al., Analytical

- Figur 1: Karte des das Transposon Tn5531 enthaltenden Plasmids pCGL0040. Das Transposon ist als nicht schraffierter Pfeil gekennzeichnet.
- Figur 2: Karte des das thrE-Gen enthaltenden Plasmids pZlthrE.

Längenangaben sind als ca.-Angaben aufzufassen. Die verwendeten Abkürzungen und Bezeichnungen haben folgende Bedeutung:

- BglII: Restriktionsendonuklease aus *Bacillus globigii*
- 10 • EcoRI: Restriktionsendonuklease aus *Escherichia coli*
- EcoRV: Restriktionsendonuklease aus *Escherichia coli*
- SacI: Restriktionsendonuklease aus *Streptomyces achromogenes*
- XbaI: Restriktionsendonuklease aus *Xanthomonas badrii*
- 15 • XhoI: Restriktionsendonuklease aus *Xanthomonas holcicola*
- Amp: Ampicillinresistenzgen
- Kan: Kanamycinresistenzgen
- 'amp: 3'-Teil des Ampicillinresistenzgens
- oriBR322: Replikationsregion des Plasmides pBR322

chemistry (1979) 51: 1167-1174). Es wurde ein HPLC-Gerät der Serie HP1100 (Hewlett-Packard, Waldbronn, Deutschland) mit angeschlossenem Fluoreszenzdetektor (G1321A) verwendet; die Systemsteuerung und die Auswertung der Daten erfolgte mit einer HP-Chem-Station (Hewlett-Packard). 1 µL der zu analysierenden Aminosäurelösung wurde in einer automatischen Vorsäulenderivatisierung mit 20 µL ortho-Phthalaldehyd/2-Mercaptoethanol-Fertigreagenz (Pierce Europe BV, Oud-Beijerland, Niederlande) gemischt. Die dabei entstehenden fluoreszierenden, thiosubstituierten Isoindole (Jones et al., Journal of Chromatography (1983) 266: 471-482) wurden über eine kombinierte Vorsäule (40x4 mm Hypersil ODS 5) und Hauptsäule (Hypersil ODS 5, beide Säulen von der Firma CS-Chromatographie Service GmbH, Langerwehe, Deutschland) mit einem Gradientenprogramm mit zunehmend unpolarer Phase (Methanol) aufgetrennt. Das polare Eluent war Natriumacetat (0,1 Molar, pH 7,2); die Flußrate betrug 0,8 mL pro Minute. Die Fluoreszenzdetektion der derivatisierten Aminosäuren erfolgte bei einer Anregungswellenlänge von 230 nm und einer Emissionswellenlänge von 450 nm. Die Aminosäurekonzentrationen wurden über einen Vergleich mit einem externen Standard und Asparagin als zusätzlichem internen Standard berechnet.

Die Ergebnisse sind in Tabelle 2 aufgeführt.

Tabelle 2:

Stamm	L-Threonin (g/L)			
	0 Std.	24 Std.	48 Std.	72 Std.
DM368-2 pZ1	0	0,46	1,27	1,50
DM368-2 pZ1thrE	0	0,68	1,71	2,04

Folgende Figuren sind beigelegt:

**Neue für das thrE-Gen codierende Nukleotidsequenzen und
Verfahren zur fermentativen Herstellung von L-Threonin mit
coryneformen Bakterien**

Patentansprüche

- 5 1. In coryneformen Mikroorganismen replizierbare,
bevorzugt rekombinante DNA mit der Herkunft
Corynebacterium, die zumindest eine Nukleotidsequenz
enthält, die für das thrE-Gen codiert.
2. Replizierbare DNA gemäß Anspruch 1 mit
 - 10 (i) den Nukleotidsequenzen, gezeigt in
SEQ-ID-No. 1, oder SEQ-ID No. 3, die für das
thrE-Gen codieren, oder
 - (ii) mindestens einer Sequenz, die den Sequenzen (i)
innerhalb des Bereichs der Degeneration des
15 genetischen Codes entspricht, oder
 - (iii) mindestens einer Sequenz, die mit den zu den
Sequenzen (i) oder (ii) komplementären
Sequenzen hybridisiert, und/oder gegebenenfalls
 - (iv) funktionsneutralen Sinnmutationen in (i).
- 20 3. Aminosäuresequenz des Proteins, abgeleitet aus den
Nukleotidsequenzen gemäß den Ansprüchen 1 oder 2,
dargestellt in der SEQ-ID-No. 2 und der SEQ-ID-No. 4.
4. Coryneforme Mikroorganismen, insbesondere der Gattung
Corynebacterium, transformiert durch die Einführung
25 einer oder mehrerer der replizierbaren DNA gemäß einem
der Ansprüche 1 oder 2.
5. Corynebacterium glutamicum DM368-2 pZ1thrE, hinterlegt
unter der Nummer DSM 12840.
6. Verfahren zur Herstellung von L-Threonin durch
30 Fermentation coryneformer Bakterien,
dadurch gekennzeichnet,

daß man Bakterien einsetzt, in denen Nukleotidsequenzen, codierend für das thrE-Gen, verstärkt, insbesondere überexprimiert werden.

- 5 7. Verfahren gemäß Anspruch 6, dadurch gekennzeichnet, daß man Bakterien einsetzt, in denen zusätzlich eines oder mehrere Gene des Threonin-Biosyntheseweges verstärkt.
- 10 8. Verfahren gemäß den Ansprüchen 6 und 7, dadurch gekennzeichnet, daß man einen mit einem Plasmidvektor transformierten Stamm einsetzt und der Plasmidvektor die für das thrE-Gen codierende Nucleotidsequenz trägt.
- 15 9. Verfahren gemäß den Ansprüchen 6 bis 8, dadurch gekennzeichnet, daß man das thrE-Gen in Mikroorganismen überexprimiert, die weitere Metabolit- bzw. Antimetabolit-Resistenzmutationen aufweisen.
- 20 10. Verfahren gemäß den Ansprüchen 6 bis 9, dadurch gekennzeichnet, daß man die Mikroorganismen zur Erzielung der Überexpression in geänderten Kulturmedien fermentiert und/oder die Fermentationsführung ändert.
- 25 11. Verfahren gemäß den Ansprüchen 6 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß man Mikroorganismen einsetzt, in denen die Stoffwechselwege zumindest teilweise ausgeschaltet sind, die die Threoninbildung verringern.
- 30 12. Verfahren gemäß den Ansprüchen 6 bis 11, dadurch gekennzeichnet, daß man Mikroorganismen einsetzt, in denen man zusätzlich zum thrE-Gen die übrigen Gene des Stoffwechselweges der Threoninbildung, einzeln oder gemeinsam verstärkt (überexprimiert).

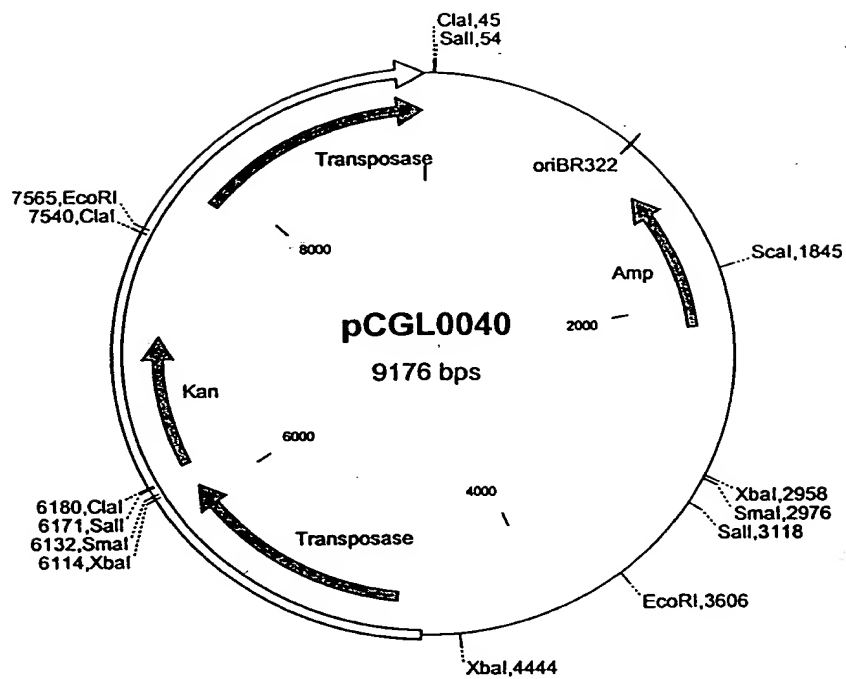
13. Verfahren zur Herstellung von L-Threonin,
dadurch gekennzeichnet,
daß man folgende Schritte durchführt:
- 5 a) Fermentation von Mikroorganismen gemäß einem oder mehreren der vorhergehenden Ansprüche, in denen zumindest das thrE-Gen verstärkt (überexprimiert) wird, ggf. in Kombination mit weiteren Genen,
 - 10 b) Anreicherung des L-Threonins im Medium oder in den Zellen der Mikroorganismen, und
 - c) Isolieren des L-Threonins.
14. Verfahren gemäß einem oder mehreren der vorhergehenden Ansprüche,
dadurch gekennzeichnet,
15 daß man Mikroorganismen der Gattung Corynebacterium einsetzt.
15. Verfahren zur Isolierung des thrE-Gens,
dadurch gekennzeichnet,
daß man als Indikatorstämme im thrE-Gen defekte
20 Mutanten, vorzugsweise coryneformer Bakterien gewinnt, die auf einem ein Threonin-haltiges Oligopeptid enthaltenden Nährmedium nicht oder nur gering wachsen und
- 25 a) das thrE-Gen nach dem Anlegen einer Genbank identifiziert und isoliert, oder
 - b) im Fall der Transposon-Mutagenese auf das bevorzugt eine Antibiotikaresistenz enthaltende Transposon selektiert und so das thrE-Gen erhält.

Zusammenfassung

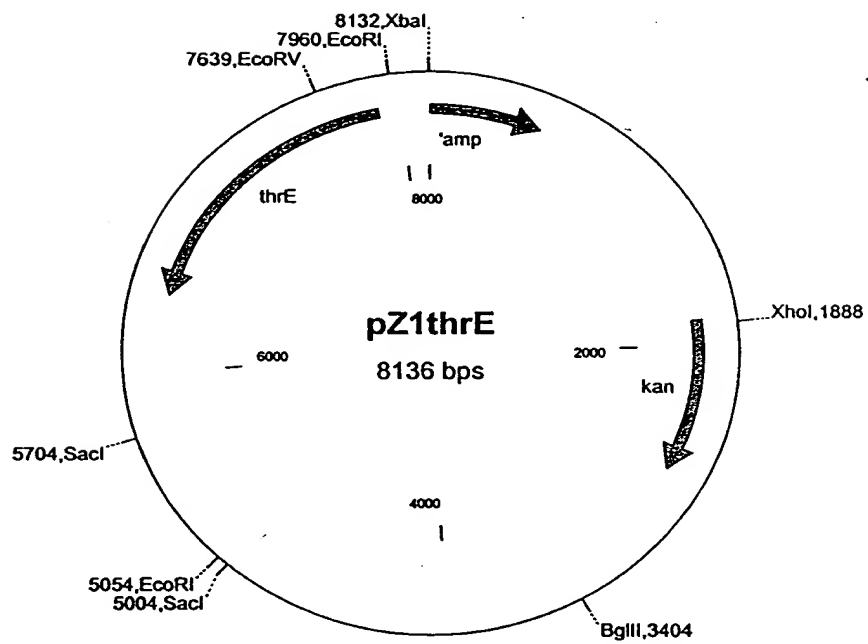
**Neue für das thrE-Gen codierende Nukleotidsequenzen und
Verfahren zur fermentativen Herstellung von L-Threonin mit
coryneformen Bakterien**

- 5 15. Die Erfindung betrifft in coryneformen Mikroorganismen
replizierbare, bevorzugt rekombinante DNA mit der
Herkunft Corynebacterium, die zumindest eine
Nukleotidsequenz enthält, die für das thrE-Gen codiert,
und ein Verfahren zur Herstellung von L-Threonin, das
10 dadurch gekennzeichnet ist, daß man folgende Schritte
durchführt:
- a) Fermentation von Mikroorganismen in denen zumindest
das thrE-Gen verstärkt (überexprimiert)
15 wird, ggf. in Kombination mit weiteren Genen,
b) Anreicherung des L-Threonins im Medium oder in den
Zellen der Mikroorganismen, und
c) Isolieren des L-Threonins.

Figur 1:



Figur 2:



SEQUENZPROTOKOLL

5 <110> Degussa-Hüls AG
 Forschungszentrum-Jülich GmbH
 <120> Neue für das thrE-Gen codierende Nukleotidsequenzen und
 Verfahren zur fermentativen Herstellung von L-Threonin mit
 coryneformen Bakterien.
 10 <130> 990079 BT
 <140>
 <141>
 15 <160> 4
 <170> PatentIn Ver. 2.1
 <210> 1
 20 <211> 2817
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum ATCC14752
 <220>
 25 <221> CDS
 <222> (398)..(1864)
 <223> thrE-Gen
 <400> 1
 30 aatgaaataa tcccctcacc aactggcgac attcaaacac cgtttcattt ccaaacatcg 60
 agccaaggga aaagaaagcc cctaagcccc gtgttattaa atggagactc tttggagacc 120
 tcaagccaaa aaggggcatt ttcattaaga aaatacccct ttgacctggt gttattgagc 180
 35 tggagaagag acttgaactc tcaacctacg cattacaagt gcgttgcgct gccaatgagc 240
 ccactccagc accgcagatg ctgatgatca acaactacga atacgtatct tagcgtatgt 300
 40 gtacatcaca atggaattcg gggctagagt atctgggtgaa ccgtgcataa acgacctgtg 360
 attggactct ttttccttgc aaaatgtttt ccagcgg atg ttg agt ttt gcg acc 415
 Met Leu Ser Phe Ala Thr
 1 5
 45 ctt cgt ggc cgc att tca aca gtt gac gct gca aaa gcc gca cct ccg 463
 Leu Arg Gly Arg Ile Ser Thr Val Asp Ala Ala Lys Ala Ala Pro Pro
 10 15 20
 50 cca tcg cca cta gcc ccg att gat ctc act gac cat agt caa gtg gcc 511
 Pro Ser Pro Leu Ala Pro Ile Asp Leu Thr Asp His Ser Gln Val Ala
 25 30 35
 55 ggt gtg atg aat ttg gct gcg aga att ggc gat att ttg ctt tct tca 559
 Gly Val Met Asn Leu Ala Ala Arg Ile Gly Asp Ile Leu Leu Ser Ser
 40 45 50
 60 ggt acg tca aac agt gat acc aag gtg caa gtt cga gcg gtg acc tct 607
 Gly Thr Ser Asn Ser Asp Thr Lys Val Gln Val Arg Ala Val Thr Ser
 55 60 65 70
 65 gcg tat ggc ctg tac tat acg cat gtg gat atc acg ttg aat acg atc 655
 Ala Tyr Gly Leu Tyr Tyr Thr His Val Asp Ile Thr Leu Asn Thr Ile
 75 80 85

10971 U.S. PTO
 09/963521
 09/27/01

	acc atc ttc acc aac atc ggt gtg gag agg aag atg ccg gtc aac gtg	703
	Thr Ile Phe Thr Asn Ile Gly Val Glu Arg Lys Met Pro Val Asn Val	
	90 95 100	
5	ttt cat gtt gtg ggc aag ttg gac acc aac ttc tcc aaa ctg tct gag	751
	Phe His Val Val Gly Lys Leu Asp Thr Asn Phe Ser Lys Leu Ser Glu	
	105 110 115	
10	gtt gac cgt ttg atc cgt tcc att cag gct ggt gct acc ccg cct gag	799
	Val Asp Arg Leu Ile Arg Ser Ile Gln Ala Gly Ala Thr Pro Pro Glu	
	120 125 130	
15	gtt gcc gag aaa att ctg gac gag ttg gag caa tcg cct gcg tct tat	847
	Val Ala Glu Lys Ile Leu Asp Glu Leu Glu Gln Ser Pro Ala Ser Tyr	
	135 140 145 150	
20	ggg ttc cct gtt gcg ttg ctt ggc tgg gca atg atg ggt ggc gct gtt	895
	Gly Phe Pro Val Ala Leu Leu Gly Trp Ala Met Met Gly Gly Ala Val	
	155 160 165	
25	gct gtg ctg ttg ggt ggt gga tgg cag gtt tcc cta att gct ttt att	943
	Ala Val Leu Leu Gly Gly Gly Trp Gln Val Ser Leu Ile Ala Phe Ile	
	170 175 180	
30	acc gcg ttc acg atc att gcc acg acg tca ttt ttg gga aag aag ggt	991
	Thr Ala Phe Thr Ile Ile Ala Thr Thr Ser Phe Leu Gly Lys Lys Gly	
	185 190 195	
35	ttg cct act ttc ttc caa aat gtt gtt ggt ggt ttt att gcc acg ctg	1039
	Leu Pro Thr Phe Phe Gln Asn Val Val Gly Gly Phe Ile Ala Thr Leu	
	200 205 210	
40	cct gca tcg att gct tat tct ttg gcg ttg caa ttt ggt ctt gag atc	1087
	Pro Ala Ser Ile Ala Tyr Ser Leu Ala Leu Gln Phe Gly Leu Glu Ile	
	215 220 225 230	
45	aaa ccg agc cag atc atc gca tct gga att gtt gtg ctg ttg gca ggt	1135
	Lys Pro Ser Gln Ile Ile Ala Ser Gly Ile Val Val Leu Leu Ala Gly	
	235 240 245	
50	ttg aca ctt gtg caa tct ctg cag gac ggc atc acg ggc gct ccg gtg	1183
	Leu Thr Leu Val Gln Ser Leu Gln Asp Gly Ile Thr Gly Ala Pro Val	
	250 255 260	
55	aca gca agt gca cga ttt ttt gaa aca ctc ctg ttt acc ggc ggc att	1231
	Thr Ala Ser Ala Arg Phe Phe Glu Thr Leu Leu Phe Thr Gly Gly Ile	
	265 270 275	
60	gtt gct ggc gtg ggt ttg ggc att cag ctt tct gaa atc ttg cat gtc	1279
	Val Ala Gly Val Gly Leu Gly Ile Gln Leu Ser Glu Ile Leu His Val	
	280 285 290	
65	atg ttg cct gcc atg gag tcc gct gca gca cct aat tat tcg tct aca	1327
	Met Leu Pro Ala Met Glu Ser Ala Ala Ala Pro Asn Tyr Ser Ser Thr	
	295 300 305 310	
70	ttc gcc cgc att atc gct ggt ggc gtc acc gca gcg gcc ttc gca gtg	1375
	Phe Ala Arg Ile Ile Ala Gly Gly Val Thr Ala Ala Ala Phe Ala Val	
	315 320 325	
75	ggg tgt tac gcg gag tgg tcc tcg gtg att att gcg ggg ctt act gcg	1423
	Gly Cys Tyr Ala Glu Trp Ser Ser Val Ile Ile Ala Gly Leu Thr Ala	
	330 335 340	

ctg atg ggt tct gcg ttt tat tac ctc ttc gtt gtt tat tta ggc ccc 1471
 Leu Met Gly Ser Ala Phe Tyr Tyr Leu Phe Val Val Tyr Leu Gly Pro
 345 350 355
 5 gtc tct gcc gct gcg att gct gca aca gca gtt ggt ttc act ggt ggt 1519
 Val Ser Ala Ala Ala Ile Ala Ala Thr Ala Val Gly Phe Thr Gly Gly
 360 365 370
 10 ttg ctt gcc cgt cga ttc ttg att cca ccg ttg att gtg gcg att gcc 1567
 Leu Leu Ala Arg Arg Phe Leu Ile Pro Pro Leu Ile Val Ala Ile Ala
 375 380 385 390
 15 ggc atc aca cca atg ctt cca ggt cta gca att tac cgc gga atg tac 1615
 Gly Ile Thr Pro Met Leu Pro Gly Leu Ala Ile Tyr Arg Gly Met Tyr
 395 400 405
 20 gcc acc ttg aat gat caa aca ctc atg ggt ttc acc aac att gcg gtt 1663
 Ala Thr Leu Asn Asp Gln Thr Leu Met Gly Phe Thr Asn Ile Ala Val
 410 415 420
 gct tta gcc act gct tca tca ctt gcc gct ggc gtg gtt ttg ggt gag 1711
 Ala Leu Ala Thr Ala Ser Ser Leu Ala Ala Gly Val Val Leu Gly Glu
 425 430 435
 25 tgg att gcc cgc agg cta cgt cgt cca cca cgc ttc aac cca tac cgt 1759
 Trp Ile Ala Arg Arg Leu Arg Arg Pro Pro Arg Phe Asn Pro Tyr Arg
 440 445 450
 30 gca ttt acc aag gcg aat gag ttc tcc ttc cag gag gaa gct gag cag 1807
 Ala Phe Thr Lys Ala Asn Glu Phe Ser Phe Gln Glu Glu Ala Glu Gln
 455 460 465 470
 35 aat cag cgc cgg cag aga aaa cgt cca aag act aat caa aga ttc ggt 1855
 Asn Gln Arg Arg Gln Arg Lys Arg Pro Lys Thr Asn Gln Arg Phe Gly
 475 480 485
 40 aat aaa agg taaaaatcaa cctgcttagg cgtctttcgc ttaaatagcg 1904
 Asn Lys Arg
 tagaatatcg ggtcgatcgc ttttaaacac tcaggaggat ccttgccggc caaaatcacg 1964
 gacactcgtc ccaccccaga atcccttcac gctggtgaag aggaaaccgc agccgggtgcc 2024
 45 cgcaggattg ttgccaccta ttctaaggac ttcttcgacg gcgtcacttt gatgtgcatg 2084
 ctccggcgttg aacctcaggg cctgcgttac accaaggctcg cttctgaaca cgaggaagct 2144
 cagccaaaaga aggctacaaa gcggactcgt aaggcaccag ctaagaaggc tgctgctaag 2204
 50 aaaacgacca agaagaccac taagaaaact actaaaaaga ccaccgcaaa gaagaccaca 2264
 aagaagtctt aagccggatc ttatatggat gattccaata gctttgtagt tggtgctaac 2324
 55 cgtctgccag tggatatgac tgccaccca gatggttagct atagcatctc ccccgagcccc 2384
 ggtggccttg tcacggggct ttccccggt ctggaacaac atcgtggatg ttgggtcgga 2444
 tggcctggaa ctgtagatgt tgcacccgaa ccatttcgaa cagatacggg tgttttgctg 2504
 60 caccctgttg tctcactgc aagtgactat gaaggcttct acgagggctt ttcaaacgca 2564
 acgctgtggc ctcttttcca cgatttgatt gttactccgg tgtacaacac cgattggtgg 2624
 65 catgcgtttc gggaagtaaa cctcaagttc gctgaagccg tgagccaagt ggcggcacac 2684

<210> 2
10 <211> 489
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum ATCC14752

<400> 2
15 Met Leu Ser Phe Ala Thr Leu Arg Gly Arg Ile Ser Thr Val Asp Ala
1 5 10 15
Ala Lys Ala Ala Pro Pro Pro Ser Pro Leu Ala Pro Ile Asp Leu Thr
20 20 25 30
Asp His Ser Gln Val Ala Gly Val Met Asn Leu Ala Ala Arg Ile Gly
35 40 45
Asp Ile Leu Leu Ser Ser Gly Thr Ser Asn Ser Asp Thr Lys Val Gln
25 50 55 60
Val Arg Ala Val Thr Ser Ala Tyr Gly Leu Tyr Tyr Thr His Val Asp
65 70 75 80
30 Ile Thr Leu Asn Thr Ile Thr Ile Phe Thr Asn Ile Gly Val Glu Arg
85 90 95
Lys Met Pro Val Asn Val Phe His Val Val Gly Lys Leu Asp Thr Asn
35 100 105 110
Phe Ser Lys Leu Ser Glu Val Asp Arg Leu Ile Arg Ser Ile Gln Ala
115 120 125
40 Gly Ala Thr Pro Pro Glu Val Ala Glu Lys Ile Leu Asp Glu Leu Glu
130 135 140
Gln Ser Pro Ala Ser Tyr Gly Phe Pro Val Ala Leu Leu Gly Trp Ala
145 150 155 160
45 Met Met Gly Gly Ala Val Ala Val Leu Leu Gly Gly Gly Trp Gln Val
165 170 175
Ser Leu Ile Ala Phe Ile Thr Ala Phe Thr Ile Ile Ala Thr Thr Ser
180 185 190
50 Phe Leu Gly Lys Lys Gly Leu Pro Thr Phe Phe Gln Asn Val Val Gly
195 200 205
55 Gly Phe Ile Ala Thr Leu Pro Ala Ser Ile Ala Tyr Ser Leu Ala Leu
210 215 220
Gln Phe Gly Leu Glu Ile Lys Pro Ser Gln Ile Ile Ala Ser Gly Ile
225 230 235 240
60 Val Val Leu Leu Ala Gly Leu Thr Leu Val Gln Ser Leu Gln Asp Gly
245 250 255
Ile Thr Gly Ala Pro Val Thr Ala Ser Ala Arg Phe Phe Glu Thr Leu
260 265 270
65

Leu Phe Thr Gly Gly Ile Val Ala Gly Val Gly Leu Gly Ile Gln Leu
 275 280 285
 5 Ser Glu Ile Leu His Val Met Leu Pro Ala Met Glu Ser Ala Ala Ala
 290 295 300
 Pro Asn Tyr Ser Ser Thr Phe Ala Arg Ile Ile Ala Gly Gly Val Thr
 305 310 315 320
 10 Ala Ala Ala Phe Ala Val Gly Cys Tyr Ala Glu Trp Ser Ser Val Ile
 325 330 335
 Ile Ala Gly Leu Thr Ala Leu Met Gly Ser Ala Phe Tyr Tyr Leu Phe
 340 345 350
 15 Val Val Tyr Leu Gly Pro Val Ser Ala Ala Ala Ile Ala Ala Thr Ala
 355 360 365
 Val Gly Phe Thr Gly Gly Leu Leu Ala Arg Arg Phe Leu Ile Pro Pro
 370 375 380
 20 Leu Ile Val Ala Ile Ala Gly Ile Thr Pro Met Leu Pro Gly Leu Ala
 385 390 395 400
 25 Ile Tyr Arg Gly Met Tyr Ala Thr Leu Asn Asp Gln Thr Leu Met Gly
 405 410 415
 Phe Thr Asn Ile Ala Val Ala Leu Ala Thr Ala Ser Ser Leu Ala Ala
 420 425 430
 30 Gly Val Val Leu Gly Glu Trp Ile Ala Arg Arg Leu Arg Arg Pro Pro
 435 440 445
 Arg Phe Asn Pro Tyr Arg Ala Phe Thr Lys Ala Asn Glu Phe Ser Phe
 450 455 460
 35 Gln Glu Glu Ala Glu Gln Asn Gln Arg Arg Gln Arg Lys Arg Pro Lys
 465 470 475 480
 40 Thr Asn Gln Arg Phe Gly Asn Lys Arg
 485
 45 <210> 3
 <211> 1909
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum ATCC13032
 50 <220>
 <221> CDS
 <222> (280)..(1746)
 <223> thrE-Gen
 55 <400> 3
 agcttgcatg cctgcagggtc gactctagag gatccccccc ctttgacctg gtgttattga 60
 gctggagaag agacttgaac tctcaaccta cgcattacaa gtgcgttgcg ctgccaatg 120
 60 cgccactcca gcaccgcaga tgctgatgat caacaactac gaatacgtat cttagcgtat 180
 gtgtacatca caatggaatt cggggctaga gtatctggtg aaccgtgcat aaacgacctg 240

	tgattggact ctttttcctt gcaaaatggt ttccagcgg atg ttg agt ttt gcg	294
	Met Leu Ser Phe Ala	
	1 5	
5	acc ctt cgt ggc cgc att tca aca gtt gac gct gca aaa gcc gca cct	342
	Thr Leu Arg Gly Arg Ile Ser Thr Val Asp Ala Ala Lys Ala Ala Pro	
	10 15 20	
10	ccg cca tcg cca cta gcc ccg att gat ctc act gac cat agt caa gtg	390
	Pro Pro Ser Pro Leu Ala Pro Ile Asp Leu Thr Asp His Ser Gln Val	
	25 30 35	
15	gcc ggt gtg atg aat ttg gct gcg aga att ggc gat att ttg ctt tct	438
	Ala Gly Val Met Asn Leu Ala Ala Arg Ile Gly Asp Ile Leu Leu Ser	
	40 45 50	
20	tca ggt acg tca aat agt gac acc aag gta caa gtt cga gca gtg acc	486
	Ser Gly Thr Ser Asn Ser Asp Thr Lys Val Gln Val Arg Ala Val Thr	
	55 60 65	
25	tct gcg tac ggt ttg tac tac acg cac gtg gat atc acg ttg aat acg	534
	Ser Ala Tyr Gly Leu Tyr Tyr Thr His Val Asp Ile Thr Leu Asn Thr	
	70 75 80 85	
30	atc acc atc ttc acc aac atc ggt gtg gag agg aag atg ccg gtc aac	582
	Ile Thr Ile Phe Thr Asn Ile Gly Val Glu Arg Lys Met Pro Val Asn	
	90 95 100	
35	gtg ttt cat gtt gta gcc aag ttg gac acc aac ttc tcc aaa ctg tct	630
	Val Phe His Val Val Gly Lys Leu Asp Thr Asn Phe Ser Lys Leu Ser	
	105 110 115	
40	gag gtt gac cgt ttg atc cgt tcc att cag gct ggt gcg acc ccg cct	678
	Glu Val Asp Arg Leu Ile Arg Ser Ile Gln Ala Gly Ala Thr Pro Pro	
	120 125 130	
45	gag gtt gcc gag aaa atc ctg gac gag ttg gag caa tcc cct gcg tct	726
	Glu Val Ala Glu Lys Ile Leu Asp Glu Leu Glu Gln Ser Pro Ala Ser	
	135 140 145	
50	tat ggt ttc cct gtt gcg ttg ctt ggc tgg gca atg atg ggt ggt gct	774
	Tyr Gly Phe Pro Val Ala Leu Leu Gly Trp Ala Met Met Gly Gly Ala	
	150 155 160 165	
55	gtt gct gtg ctg ttg ggt ggt gga tgg cag gtt tcc cta att gct ttt	822
	Val Ala Val Leu Leu Gly Gly Gly Trp Gln Val Ser Leu Ile Ala Phe	
	170 175 180	
60	att acc gcg ttc acg atc att gcc acg acg tca ttt ttg gga aag aag	870
	Ile Thr Ala Phe Thr Ile Ile Ala Thr Thr Ser Phe Leu Gly Lys Lys	
	185 190 195	
65	ggt ttg cct act ttc ttc caa aat gtt gtt ggt ggt ttt att gcc acg	918
	Gly Leu Pro Thr Phe Phe Gln Asn Val Val Gly Gly Phe Ile Ala Thr	
	200 205 210	
70	ctg cct gca tcg att gct tat tct ttg gcg ttg caa ttt ggt ctt gag	966
	Leu Pro Ala Ser Ile Ala Tyr Ser Leu Ala Leu Gln Phe Gly Leu Glu	
	215 220 225	
75	atc aaa ccg agc cag atc atc gca tct gga att gtt gtg ctg ttg gca	1014
	Ile Lys Pro Ser Gln Ile Ile Ala Ser Gly Ile Val Val Leu Leu Ala	
	230 235 240 245	

	ggt ttg aca ctc gtg caa tct ctg cag gac ggc atc acg ggc gct ccg	1062
	Gly Leu Thr Leu Val Gln Ser Leu Gln Asp Gly Ile Thr Gly Ala Pro	
	250 255 260	
5	gtg aca gca agt gca cga ttt ttc gaa aca ctc ctg ttt acc ggc ggc	1110
	Val Thr Ala Ser Ala Arg Phe Phe Glu Thr Leu Leu Phe Thr Gly Gly	
	265 270 275	
10	att gtt gct ggc gtg ggt ttg ggc att cag ctt tct gaa atc ttg cat	1158
	Ile Val Ala Gly Val Gly Leu Gly Ile Gln Leu Ser Glu Ile Leu His	
	280 285 290	
15	gtc atg ttg cct gcc atg gag tcc gct gca gca cct aat tat tcg tct	1206
	Val Met Leu Pro Ala Met Glu Ser Ala Ala Ala Pro Asn Tyr Ser Ser	
	295 300 305	
20	aca ttc gcc cgc att atc gct ggt ggc gtc acc gca gcg gcc ttc gca	1254
	Thr Phe Ala Arg Ile Ile Ala Gly Gly Val Thr Ala Ala Ala Phe Ala	
	310 315 320 325	
	gtg ggt tgt tac gcg gag tgg tcc tcg gtg att att gcg ggg ctt act	1302
	Val Gly Cys Tyr Ala Glu Trp Ser Ser Val Ile Ile Ala Gly Leu Thr	
	330 335 340	
25	gcg ctg atg ggt tct gcg ttt tat tac ctc ttc gtt gtt tat tta ggc	1350
	Ala Leu Met Gly Ser Ala Phe Tyr Tyr Leu Phe Val Val Tyr Leu Gly	
	345 350 355	
30	ccc gtc tct gcc gct gcg att gct gca aca gca gtt ggt ttc act ggt	1398
	Pro Val Ser Ala Ala Ala Ile Ala Ala Thr Ala Val Gly Phe Thr Gly	
	360 365 370	
35	ggt ttg ctt gcc cgt cga ttc ttg att cca ccg ttg att gtg gcg att	1446
	Gly Leu Leu Ala Arg Arg Phe Leu Ile Pro Pro Leu Ile Val Ala Ile	
	375 380 385	
40	gcc ggc atc aca cca atg ctt cca ggt cta gca att tac cgc gga atg	1494
	Ala Gly Ile Thr Pro Met Leu Pro Gly Leu Ala Ile Tyr Arg Gly Met	
	390 395 400 405	
	tac gcc acc ctg aat gat caa aca ctc atg ggt ttc acc aac att gcg	1542
	Tyr Ala Thr Leu Asn Asp Gln Thr Leu Met Gly Phe Thr Asn Ile Ala	
	410 415 420	
45	gtt gct tta gcc act gct tca tca ctt gcc gct ggc gtg gtt ttg ggt	1590
	Val Ala Leu Ala Thr Ala Ser Ser Leu Ala Ala Gly Val Val Leu Gly	
	425 430 435	
50	gag tgg att gcc cgc agg cta cgt cgt cca cca cgc ttc aac cca tac	1638
	Glu Trp Ile Ala Arg Arg Leu Arg Arg Pro Pro Arg Phe Asn Pro Tyr	
	440 445 450	
55	cgt gca ttt acc aag gcg aat gag ttc tcc ttc cag gag gaa gct gag	1686
	Arg Ala Phe Thr Lys Ala Asn Glu Phe Ser Phe Gln Glu Glu Ala Glu	
	455 460 465	
60	cag aat cag cgc cgg cag aga aaa cgt cca aag act aat cag aga ttc	1734
	Gln Asn Gln Arg Arg Gln Arg Lys Arg Pro Lys Thr Asn Gln Arg Phe	
	470 475 480 485	
	ggt aat aaa agg taaaaatcaa cctgcttagg cgtctttcgc ttaaatagcg	1786
	Gly Asn Lys Arg	
65	tagaatatcg ggtcgatcgc ttttaaacac tcaggaggat ccttgccggc caaaatcacg	1846

gacactcgtc ccaccccaga atcccttcac gctgttgaag aggaaaccgc agccggggta 1906
ccg 1909

5

<210> 4
<211> 489
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum ATCC13032

10

<400> 4
Met Leu Ser Phe Ala Thr Leu Arg Gly Arg Ile Ser Thr Val Asp Ala
1 5 10 15

15 Ala Lys Ala Ala Pro Pro Pro Ser Pro Leu Ala Pro Ile Asp Leu Thr
20 25 30

Asp His Ser Gln Val Ala Gly Val Met Asn Leu Ala Ala Arg Ile Gly
35 40 45

20

Asp Ile Leu Leu Ser Ser Gly Thr Ser Asn Ser Asp Thr Lys Val Gln
50 55 60

25 Val Arg Ala Val Thr Ser Ala Tyr Gly Leu Tyr Tyr Thr His Val Asp
65 70 75 80

Ile Thr Leu Asn Thr Ile Thr Ile Phe Thr Asn Ile Gly Val Glu Arg
85 90 95

30 Lys Met Pro Val Asn Val Phe His Val Val Gly Lys Leu Asp Thr Asn
100 105 110

Phe Ser Lys Leu Ser Glu Val Asp Arg Leu Ile Arg Ser Ile Gln Ala
115 120 125

35

Gly Ala Thr Pro Pro Glu Val Ala Glu Lys Ile Leu Asp Glu Leu Glu
130 135 140

40 Gln Ser Pro Ala Ser Tyr Gly Phe Pro Val Ala Leu Leu Gly Trp Ala
145 150 155 160

Met Met Gly Gly Ala Val Ala Val Leu Leu Gly Gly Gly Trp Gln Val
165 170 175

45 Ser Leu Ile Ala Phe Ile Thr Ala Phe Thr Ile Ile Ala Thr Thr Ser
180 185 190

Phe Leu Gly Lys Lys Gly Leu Pro Thr Phe Phe Gln Asn Val Val Gly
195 200 205

50

Gly Phe Ile Ala Thr Leu Pro Ala Ser Ile Ala Tyr Ser Leu Ala Leu
210 215 220

55 Gln Phe Gly Leu Glu Ile Lys Pro Ser Gln Ile Ile Ala Ser Gly Ile
225 230 235 240

Val Val Leu Leu Ala Gly Leu Thr Leu Val Gln Ser Leu Gln Asp Gly
245 250 255

60 Ile Thr Gly Ala Pro Val Thr Ala Ser Ala Arg Phe Phe Glu Thr Leu
260 265 270

Leu Phe Thr Gly Gly Ile Val Ala Gly Val Gly Leu Gly Ile Gln Leu
275 280 285

65

Ser Glu Ile Leu His Val Met Leu Pro Ala Met Glu Ser Ala Ala Ala
 290 295 300
 5 Pro Asn Tyr Ser Ser Thr Phe Ala Arg Ile Ile Ala Gly Gly Val Thr
 305 310 315 320
 Ala Ala Ala Phe Ala Val Gly Cys Tyr Ala Glu Trp Ser Ser Val Ile
 325 330 335
 10 Ile Ala Gly Leu Thr Ala Leu Met Gly Ser Ala Phe Tyr Tyr Leu Phe
 340 345 350
 Val Val Tyr Leu Gly Pro Val Ser Ala Ala Ala Ile Ala Ala Thr Ala
 355 360 365
 15 Val Gly Phe Thr Gly Gly Leu Leu Ala Arg Arg Phe Leu Ile Pro Pro
 370 375 380
 20 Leu Ile Val Ala Ile Ala Gly Ile Thr Pro Met Leu Pro Gly Leu Ala
 385 390 395 400
 Ile Tyr Arg Gly Met Tyr Ala Thr Leu Asn Asp Gln Thr Leu Met Gly
 405 410 415
 25 Phe Thr Asn Ile Ala Val Ala Leu Ala Thr Ala Ser Ser Leu Ala Ala
 420 425 430
 Gly Val Val Leu Gly Glu Trp Ile Ala Arg Arg Leu Arg Arg Pro Pro
 435 440 445
 30 Arg Phe Asn Pro Tyr Arg Ala Phe Thr Lys Ala Asn Glu Phe Ser Phe
 450 455 460
 35 Gln Glu Glu Ala Glu Gln Asn Gln Arg Arg Gln Arg Lys Arg Pro Lys
 465 470 475 480
 Thr Asn Gln Arg Phe Gly Asn Lys Arg
 485